

EXHIBIT D

09/843,159

> PARP-1 3045 nt vs.
> SEQ ID NO:1 3797 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
46.0% identity; Global alignment score: -507

```

      10      20      30
778106 AT-----GGC---GGAGT-----CTTCGGATAAGCTCTATCGAGTCG-AGTAC-
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      CTTTGAAGACACTGGATTTCATACTTTTGCCTGGGGTTATCTCTCT-GTGTCTCACTACA
      10      20      30      40      50

      40      50      60
778106 --GCCAAG---AGCGG-GCGC-----GCCTCTTGCA-----
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      TAGACAAATATTAGCTGTGAGCAGATCTTTTTTTGTGCTTCTTGTAGTCCCCCAGTTTA
      60      70      80      90     100     110

      70      80      90     100
778106 --AGAAA--TGCAGCGAGAGCA---TCCCCAAGGACT-CGCTCCGGA---TGGCCA---
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      GCAGAAACATTCTGTGAGATAGATGTGGGAAAGGAATTCTAGCAAGAGTTTGTCACTGT
      120     130     140     150     160     170

      110     120     130     140     150
778106 -TCAT--GGTGCAGTCGCCCATGTTTGA-----TGGAAAAGTCCCACACTGG---
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      ATCATAAGGTTGTGATTTACATATTTAAGTTTTTATACTTTGAACA-TCTGAAAATGTATA
      180     190     200     210     220     230

      160     170     180     190     200
778106 --TACCACTTCTCCTG---CTTCTGGAAGGTGGGCCACTCCATCCGGCACCCTGA-CGT
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      CATACTAAATATGCAGAACTCTATTGTAGAGTGAGAAAC--ATTGA-ACTTTGAGCTT
      240     250     260     270     280     290

      210     220     230     240     250
778106 TGAGG-----TGATGGGTTCTCTGAGCTTCGGTGGGATGATCAGC--AGAAAGTC
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      TCAGTCACTTATTTTGTATTCTTTCTTTGAGGTTAGCAGTAGT-ACCACCCAAGGCACTG
      300     310     320     330     340     350

      260     270     280     290     300
778106 AAGAAG-ACAGCGGAAGCTG-GAGGAGTGACAGGCAAAGGC-----CAGGATGGAATTGG
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      CTTAGGTACCACTGCTGCTTAGTGGAGAGTCC--CTCTGGCTTTATCATTAAGGTTTGG
      360     370     380     390     400     410

      310     320     330     340     350     360
778106 TAGCAAGGCAGAGAAGACTCTGGGTGACT--TTGCAGCAGAGTATGCCAAGT--CCAACA
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      -----GCGGA-AAGACG-TAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAGTGTCCAA--
      420     430     440     450     460

      370     380     390     400     410
778106 GAAGTACGTGC--AAGGGG--TGTATGGAGAAGATAGAAAAGGGCCAGGTGCGCCTGTC
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      ---GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGTCATGCT
      470     480     490     500     510

      420     430     440     450     460
778106 CAAGAAGA-----TGGTG-GACCCGGAGAAG---CCACAGCTAGGCATGATTG-ACC
      :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :   :
      GAAGTAGTCAATCTCCTTTTGGCGACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAATTGGAAT
```

```

520      530      540      550      560      570
778106  470      480      490      500      510      520
GCTGGTACCATCCAGGCTGCTTTGTCAAGAACAGGGAGGAGCTGGGTTTCCGCCCCGAGT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
TATACTCCTCTCCATGAAGCTG---CAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGC-----
580      590      600      610      620
778106  530      540      550      560      570      580
ACAGTGCAGCTCAGCTCAAGGGCTTCAGCC-----TCCTTGCTACAGAGGATAAAGA-AG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
ATTGTGCT-GTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGG-AAGGACAG
630      640      650      660      670      680
778106  590      600      610      620      630
CCCTGAAGA-AGCAGCTCCC-----AGGAGTCAAGAGTGAAGGAAAGAGAAAAGGCG
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGAAAGATG
690      700      710      720      730      740
778106  640      650      660      670
ATGAGGTGGATGGAGTGGATGAAGTGGCGAAGAAGAAA-----TCTAAAAA-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AACTCTTAGAA--AGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACTCACACC
750      760      770      780      790      800
778106  680      690      700      710      720      730
AGAAAAAGACAA--GGATAGTAAGCTTGAAAAAGCCCTAAAGGCTCAGAACGACCTGATC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
ATTAAATGTCAACTGCCACGCAAG--TGA---TGGCAGAAAG--TCAACTCCATTACATT
810      820      830      840      850
778106  740      750      760      770      780      790
TGGAACATCAAGGACGAGCTAAAGAAAGTGTGTTCAACT---AATG--ACCTGAAGGAGC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
TGG--CAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGGAGCTGA
860      870      880      890      900      910
778106  800      810      820      830      840
TACTCATCTTCAACAAGCAG-----CAAGTGCCTTCTGGGGAGTCGCGCATCTT--GGAC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
TGTCCATGCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCAT-TACACAATGCCTGTTCTTATGGTC
920      930      940      950      960      970
778106  850      860      870      880      890
CG-----AGTAGCCGATGGCATGGT---GTTGCGTGCCCTCCTTCCCTGCGAGGAATGCT
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
ATTATGAAGTAACTGAACCTTTGGTCAAGCATGGTGCC-TGTGTAAATGCAATGGA--CT
980      990      1000      1010      1020
778106  900      910      920      930      940      950
CGGGTCAG----CTGGTCTTCAAGAGCGATGCCTATTACTGCACTGGGGACGTCACCTGC-
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
TGTGGCAATTCACTCCTCTTCATGAG-GCAGCTTCTAAGAACAGGGTTGAAGTATGTTCT
1030      1040      1050      1060      1070      1080
778106  960      970      980      990
CTGGACCAAGTGTATGGTCAAGACACAGACACC---CAACCGG-----AAG-----
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
CTTCTCTTAAGTTATGGTGCAGACCCA-ACACTGCTCAATTGTCAACAATAAAGTGCTAT
1090      1100      1110      1120      1130      1140
778106  1000      1010      1020      1030      1040      1050
-GAGTGGGTAACCCCAAAGGAATTCGAGAAATCTCTTACCTCAAGAAATTGAAGGTTAA
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

-      AGACTTGGCTCCACACCACAGTTAAAAGAAAGA--TTAGCATATGAATTTAAAGGCCAC
1150      1160      1170      1180      1190      1200

              1060              1070              1080              1090
778106 A-----AAACAGGAC-----CGTATATTCCCC---CAGAAACCAGCGC-CTCCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      TCGTTGCTGCAAGCTGCACGAGAAGCTGATGTTACTCGAATCAAAAAACATCTCTCTCTG
      1210      1220      1230      1240      1250      1260

              1100              1110              1120              1130              1140
778106 ----TGGCGGC---CACGCCTCCGCCCTCC-----ACAGCCTCGGCTCCTGCTGCTGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      GAAATGGTGAATTTCAAGCATCCTCAAACACATGAAACAGCATTGCATTGTGCTGCTGC-
      1270      1280      1290      1300      1310      1320

              1150              1160              1170              1180              1190
778106 AACTCC-TCTGCTTCAGCAGATAAGCCATTATCCAACATGAAGATCCTGACTCTCGGGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      ATCTCCATATCC--CAAAAGA-AAGCAAATAT-----GTGAA---CTGTTGCTAAGAAA
      1330      1340      1350      1360      1370

1200      1210      1220      1230      1240      1250
778106 GCTGTCCCGGAACAAGGATGAAGTGAAGGCC--ATGATTGAGAACTCGGGGGGAAGTTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      A-----GGAGCAAACATCAATGAAAAGACTAAAGAATTCTTGACTCCTCTGCACGTGG
      1380      1390      1400      1410      1420

1260      1270      1280              1290              1300
778106 A---CGGGGACGGCCAACAAGGCTTCCCT-----GTGCATCA-GCACCAA---A
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      CATCTGAGAAAGCTCATAATGATGTTGTTGAAGTAGTGGTGAACATGAAGCAAAGGTTA
      1430      1440      1450      1460      1470      1480

              1310              1320              1330              1340
778106 AGGAGGTGGAAGATGAATAAGA-----AGATGGAGGAAGTAAAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      ATGCTCTGGATAATCTTGGTCAGACTTCTCTACACAGAGCTGCATATTGTGGTCATCTAC
      1490      1500      1510      1520      1530      1540

              1350              1360              1370              1380
778106 GAA-----GCCAACATCCGAGTTGTGTCTGAGGACTT-----CCTCCAGGACG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      AAACCTGCCGCTACTCCTGAGCTATGGGTGTGATCCTAACATTATATCCCTTCAGGGCT
      1550      1560      1570      1580      1590      1600

              1390              1400              1410              1420              1430
778106 TCTCCGCTCCACCAAGAGCCTT-----CAGGAGTTGTTCTTAGCGCACATCTTGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      TTACTGCTTTACAGATGGGAAATGAAAATGTACAGCAACTCCTCCAAGAGGGTATCTCAT
      1610      1620      1630      1640      1650      1660

              1440              1450              1460              1470              1480
778106 CCCCT---TGGGGGGCAGA-----GGTG-AAG--GCAGAGCCTGTTGAAGTTGTGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      TAGGTAATTACAGAGGCAGACAGACAATTGCTGGAAGCTGCAAAGGCTGGAGATGTCGAAA
      1670      1680      1690      1700      1710      1720

              1490              1500              1510              1520
778106 CCCCAAGA-----GGGAAGT---CAGGGGCTGCGCTCTCCAAAAAAGC-AAGGGC----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
-      CTGTAAAAAACTGTGTACTGTTCAGAG--TGTCAACTGCAGAGACATTGAAGGGCGTCA
      1730      1740      1750      1760      1770      1780

              1530              1540              1550              1560              1570
778106 -----CAGGTCAA---GGAGGAAGGTATCAACAAATCTGAAAAGAGAATGAAATTAA

```

```

      ::  ::  :  ::  ::::  ::::  :  ::  :  ::  ::
-   GTCTACACCACTTCATTTTGCAGCTGGGTAT-AACAGAG-TGTCCGTGG--TGGAAT-AT
      1790      1800      1810      1820      1830

      1580      1590      1600      1610      1620
778106 CTCTTAAAGGA-GGAGCAGCTGTGGATCCT---GATTCTGGA---CTGGAACACTCTGC-
      ::  ::  ::  :  ::::  :  ::::  :  ::  ::  ::  :  ::  ::  ::
-   CTGCTACAGCATGGAGCTGATGTGCATGCTAAAGATAAAGGAGGCCTTGTAC-CTTTGCA
      1840      1850      1860      1870      1880      1890

      1630      1640      1650      1660
778106 -----GCATGTCCT---GGAGA-----AAGGTGG-GAAGGTCTT-----CAGT
      ::::  ::  ::  :  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::  ::
-   CAATGCATGTTCTTATGGACATTATGAAGTTCAGAACTTCTTGTTAAACATGGAGCAGT
      1900      1910      1920      1930      1940      1950

      1670      1680      1690      1700
778106 -GCCACCCCTTG--GCCTGGTGGACAT-----CGTTAAAGGAACCAACTCCTAC-----
      :  :  :  :  :  :  ::  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
-   AGTTAATGTAGCTGATTTATGGAAATTTACACCTTTACATGAAGCAGCAGCAAAAGGAAA
      1960      1970      1980      1990      2000      2010

      1710      1720      1730      1740
778106 -----TACAAGCTGCAGCTTC----TGGAGGA----CGAC-AAGGAAAACAGGTA
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
-   ATATGAAATTTGCAAACTTCTGCTCCAGCATGGTGCAGACCCTACCAAAAAAACAGGGA
      2020      2030      2040      2050      2060      2070

      1750      1760      1770      1780      1790
778106 TTGGA-TATTCA---GGTCCTGGGGCCG-TGTGGGTACGGT-----GATCGG--TAG
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
-   TGGAATACTCCTTTGGATCTTGTTAAAGATGGAGATACAGATATTCAAGATCTGCTTAG
      2080      2090      2100      2110      2120      2130

      1800      1810      1820      1830
778106 C----AACAACTGGAACAGATGCCGTCCAAGGAGGAT-----GCCATTGAGCA-----
      :  :  :  :  :  :  ::::  :  ::::  :  :  :  :  :  :  :  :
-   GGAGATGCAGCTTTGCTAGATGCTG-CCAAGAAGGTTGTTAGCCAGAGTGAAGAAGT
      2140      2150      2160      2170      2180      2190

      1840      1850      1860      1870
778106 ---CTTC-----ATG-AAATT-----ATAT-----GAAGAAA---AAACCGGGAAC
      ::::  :  ::  ::::  :  ::  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
-   TGTCTTCTCCTGATAATGTAAATTGCCGCGATACCCAAGGCAGACATTCAACACCTTTAC
      2200      2210      2220      2230      2240      2250

      1880      1890      1900      1910      1920
778106 GCTTGGCAC-----TCCAAAAATTTACGAAGTATCCCAAAAAGTTCTACCCCTGGAGA
      :  :  :  :  :  :  ::  ::::  :  ::::  :  :  :  :  :  :  :  :
-   ATTTAGCAGCTGGTTATAATAATTTA--GAAGTTGCAGAGTATTTGTTACAACACGGAGC
      2260      2270      2280      2290      2300      2310

      1930      1940      1950
778106 T--TGACTATGGCCAGGATGAAG-----AGGCAG-----
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
-   TGATGTGAATGCCCAAGACAAAGGAGGACTTATTCCTTTACATAATGCAGCATCTTACGG
      2320      2330      2340      2350      2360      2370

      1960      1970      1980      1990
778106 -----TGAAGAAGCTG-----ACAGTA-AATCC---TGGCA---CCAAGTCCAA
      :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :  :
-   GCATGTAGATGTAGCAGCTCTACTAATAAAGTATAATGCATGTGTCAATGCCACGGACAA
      2380      2390      2400      2410      2420      2430

      2000      2010      2020      2030

```

```

778106 ----GCTCCCCAAGCCAGTTCAGGAC-CTCATCAAGATG-----ATCTTTGA----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      ATGGGCTTTC-ACACCTTTGCACGAAGCAGCCCAAAGGGACGAACACAGCTTTGTGCTT
      2440      2450      2460      2470      2480      2490

      2040      2050      2060      2070
778106 TGTGGAAAGT--ATGAAG-----AAAGCCATGGTGGAGTA-----TGAG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TGTGTCTAGCCCATGGAGCTGACCCGACTCTTAAAAATCAGGAAGGACAAACACCTTTAG
      2500      2510      2520      2530      2540      2550

      2080      2090      2100      2110
778106 ATCGACCTTCAGAAGATG-----CCCTTGGGGAAGCTGAGCAAAAGGCAGATC---
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      ATTTAGTTTCAGCGGATGATGTCAGCGCTCTTCTGACAGC--AGCCATGCCCCATCTGC
      2560      2570      2580      2590      2600      2610

      2120      2130      2140      2150      2160
778106 -CAGGCCGCATACTCCA-----TCCTCAGTGAGGTCCAGCAGGCGGTGTCTCAGGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TCTGCCCTCTTGTTACAAGCCTCAAGTGCTCAATGGTGTG-AGAAGCCCAGGAGCCACTG
      2620      2630      2640      2650      2660

      2170      2180      2190      2200      2210      2220
778106 CAGCAGCGA-CTCT-CAGATCC-TGGATCTCTCAAATCGCTTTTACACCCTG-ATCCCCC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CAGATGCTCTCTCTTCAGGTCCATCTAGCCCATCAAGCCTTTCTGCAGCCAGCAGTCTTG
      2670      2680      2690      2700      2710      2720

      2230      2240      2250      2260
778106 ACGACTT---TGGGA---TGAAGAA--GCCTCCGCTCCT-----GAACAA---
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      ACAACTTATCTGGGAGTTTTTTCAGAACTGTCTTCAGTAGTTAGTTCAAGTGGAACAGAGG
      2730      2740      2750      2760      2770      2780

      2270      2280      2290
778106 -TGCAGACAGTGTGCAGGCCAAGGCGGA-----AATGC-
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      GTGCTTCCAGTTTGGAGAAAAAGGAGGTTCCAGGAGTAGATTTTAGCATAACTCAATTGC
      2790      2800      2810      2820      2830      2840

      2300      2310      2320      2330
778106 -----TTGACAACCTGCTGGACATCGAGGTG-GCCTACAGTCTGCTCAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TAAGGAATCTTGGACTTGAGCACCTAATGGATATATTTGAGAGAGAACAGATCACTTTGG
      2850      2860      2870      2880      2890      2900

      2340      2350      2360      2370      2380
778106 GGAGGGTCTGATGATA----GCAGCAAGGATCCCATCGA---TG---TCAAC---TATG-
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      AT-GTATTAGTTGAGATGGGGCA-CAAGGAGCTGAAGGAGATTGGAATCAATGCTTATGG
      2910      2920      2930      2940      2950      2960

      2390      2400      2410      2420      2430      2440
778106 --AGAAGCTCAAACTGACATTAAGGTGGTTGACAGAGAT-TCTGAAGAAGCCGAGATCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      ACATAGGCACAAA-CTAA--TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACAAGGTCT
      2970      2980      2990      3000      3010      3020

      2450      2460      2470
778106 TCAGGAAGTATGTTAA----GAACAC-----TCATGCAACCACAC-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TAACCCA-TAT-TTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGAACAATTCTTATAGATCTGTCT
      3030      3040      3050      3060      3070      3080

```

```

                2480      2490                      2500      2510
778106 -----ACAATGCGTATGACT---TGGA-----AGT-CA--TCGATATCTT
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          CCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGAGAGCAC
          3090      3100      3110      3120      3130      3140

                2520      2530      2540      2550
778106 TAAGATAGAG--CGTGAAGGCGAA---TGCCAGCGTTACAAGCC-CT-----TTAAGCAG
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          AGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATTGAGAAG
          3150      3160      3170      3180      3190      3200

                2560      2570      2580      2590
778106 CTTCATAACCGAAGATTGCTGTGGCACGGGTCCA-----GGA-----
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          GTTTGTAAAC--AAGAAA-CTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTTTCTGAA
          3210      3220      3230      3240      3250

                2600      2610      2620      2630
778106 -----CCACCAACTTTGC---TG---GGATCCTGTCCCA-GGGTCTTCG-----GA-----
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          GAAAACCAC-AACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTTCATGGGTCTCCTTTGTGAATGC
          3260      3270      3280      3290      3300      3310

                2640      2650      2660      2670      2680
778106 ---TAGCCCC---GCCT-----GAAGCGCCCGTG---ACAGGCTACATGTTTGGTAAAGG
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          AATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGGAGCTGG
          3320      3330      3340      3350      3360      3370

                2690      2700      2710      2720      2730      2740
778106 GATCTATTTTCGCTGACATGGTCTCCAAGAGTGCCAACTACTGCCATACGTCTCAGGGAGA
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          CATTTATTTTCTGCTGAAAACCTCTTCCAAAAG--CAATCAATATGTATATGGAATTGGAGGA
          3380      3390      3400      3410      3420      3430

                2750      2760      2770      2780      2790
778106 CCCAATAGGCTTAATCCTGTT-----GGGAGAAGTTGC--CCTTGGAAACATGTA--TG
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          GGTACTGGGTGT---CCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTACATTTGCCACAGGCAGCTG
          3440      3450      3460      3470      3480      3490

                2800      2810      2820      2830      2840
778106 AACTGAAGCACGCTTCACATATCAGCAAGT--TACC--CA----AGGGCAAGCACAGTGT
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          CTCTTTTGC-CGGGTAACCT-TGGGAAAGTCTTTCCTGCAGTTCAGTGCAATGAAAATGG
          3500      3510      3520      3530      3540      3550

                2850      2860      2870      2880
778106 CAAAGGTTT-----GGGCAAACTAC--CCCTGAT---CCTTCAG-----CTAAC
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          CACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCC--CAGTGTAATGGCCTAGC
          3560      3570      3580      3590      3600

                2890      2900      2910      2920      2930      2940
778106 ATTAGTCTGGATGGTGTAGACGTTCTCTTGGGACCGGATTTCATCTGGTGTGAATGAC
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          ATTAG-CTGAATATGTTAT---TTACAGAGGAGAACAGGCTT--ATCCTGAGTATTTAAT
          3610      3620      3630      3640      3650      3660

                2950      2960      2970      2980      2990
778106 ACCTCTCTACTATATAACGAGTAC-----ATTGTCTATG---ATATTGCTCAGGTAAA
          : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
          TACT---TACCAGATTATGAGGCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTATTTTAAG
          3670      3680      3690      3700      3710      3720

```

```

      3000      3010      3020      3030
778106 TCTGAAGTA--TCTGCTGAAACTGAAAT--TCAA-----TTTTAAG
      :: :: :: :::: :: :::: ::::
      A---AACTAATTCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGTTTACT
      3730      3740      3750      3760      3770

```

```

      3040
778106 ACCTCCCTGTGGTAA-----
      : : :: : :
      CCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA
      3780      3790

```

```

>_ PARP-1                                3045 nt vs.
>_ SEQ ID NO:2                          3816 nt
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
46.3% identity;          Global alignment score: -435

```

```

      10      20      30      40
649550 ATGGCGGAGTCTTC-----GGATAAGCTCTATCGAGTCGAGTAC-GCCAAGAGCG----
      :: : : : : :: :: : : :: : : : : : :
      CGCGCTGCTCCGCCCGCCGCGGGGCAGCCGGGGGCAGGGAGCCCAGCGAGGGGCGCGCG
      10      20      30      40      50      60

```

```

      50      60      70      80
649550 --GGCGCGCCTCTTGCAA-----GA-----AATGCAGCGAG---AGCATCCC---
      :::: : : : : : : : : : : : : : : : :
      TGGGCGCGGCCCATGGGACTGCGCCGGATCCGGTGACAGCAGGGAGCCAAGCGGCCCGGG
      70      80      90      100      110      120

```

```

      90      100      110      120      130
649550 -CAAGGACTCG----CTCCGGATGGCCA-----TCATGGTGCAGTCGCCCATGT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CCCTGAGCGCGTCTTCTCCGGGGGGCCTCGCCCTCCTGCTCGCGGGGCCGGGGCTCCTGC
      130      140      150      160      170      180

```

```

      140      150      160      170
649550 T-----TGATGGAAAAGTCCCACACTG-----GTACCACTTCTCCT-GCTTCT
      : : :: : : : : : : : : : : : : : :
      TCCGGTTGCTGGCGCTGTTGCTGGCTGTGGCGGCGGCCAGGATCATGTGCGGTTCGCCGCT
      190      200      210      220      230      240

```

```

      180      190      200      210      220
649550 G-GAAGGTGGGCCA-CTCCATCCG---GCACC-CTGACGTTGAGGTGGATGGGTTCTCT-
      : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      GCGCCGGCGGGGAGCGGCCTGCCGAGCGCGCGGCCGAGGCCGTGGAGCCGCCGCC
      250      260      270      280      290      300

```

```

      230      240      250      260
649550 --GAGCT-TCGGTGGGATGATCAGCA-----GAA--AGTCAAGAAGACAGCGGA
      :::: : : : : : : : : : : : : : : : :
      GAGAGCTGTTGAGGCGTG--CCGCAACGGGGACGTGGAACGAGTCAAGAGG-CTGGTGA
      310      320      330      340      350

```

```

      270      280      290      300
649550 AGCTGGAGGAG-TGA-CAG--GCAAA-----GGCCAGGA-----TGAATTGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CGCCTGAGAAGGTGAACAGCCGCGACACGGCGGGCAGGAAATCCACCCCGCTGCACTTCG
      360      370      380      390      400      410

```

```

      310      320      330      340      350
649550 TAGCAAG-----GCAGAGAAGACTCTGGGTGACT--TTGCAGCAGAGTA-TGCCAA-GT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

```

--      CCGCAGGTTTTGGGCGGA-AAGACG-TAGTTGAATATTTGCTTCAGAATGGTGCAAATGT
      420      430      440      450      460      470

649550 360      370      380      390      400      410
      CCAACAGAAGTACGTGC--AAGGGG---TGTATGGAGAAGATAGAAAAGGGCCAGGTGCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CCAA-----GCACGTGATGATGGGGGCCTTATTCCTCTTCATAATGCATGCTCTTTTGGT
      480      490      500      510      520      530

649550 420      430      440      450      460
      CCTGTCCAAGAAGA-----TGGTG-GACCCGGAGAAG---CCACAGCTAGGCATGAT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CATGCTGAAGTAGTCAATCTCCTTTTGCACATGGTGCAGACCCCAATGCTCGAGATAAT
      540      550      560      570      580      590

649550 470      480      490      500      510      520
      TG-ACCGCTGGTACCATCCAGGCTGCTTTGTCAAGAACAGGGAGGAGCTGGGTTTCCGGC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TGAATTATACTCCTCTCCATGAAGCTG---CAATTAAAGGAAAGATTGATGTTTGC---
      600      610      620      630      640

649550 530      540      550      560      570
      CCGAGTACAGTGCGAGTCAGCTCAAGGGCTTCAGCC-----TCCTTGCTACAGAGGATAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      -----ATTGTGCT-GTTACAGCATGGAGCTGAGCCAACCATCCGAAATACAGATGG-AA
      650      660      670      680      690

649550 580      590      600      610      620
      AGA-AGCCCTGAAGA-AGCAGCTCCC-----AGGAGTCAAGAGTGAAGGAAAGAGAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      GGACAGCATTGGATTTAGCAGATCCATCTGCCAAAGCAGTGCTTACTGGTGAATATAAGA
      700      710      720      730      740      750

649550 630      640      650      660      670
      AAGGCGATGAGGTGGATGGAGTGGATGAAGTGGCGAAGAAGAAA-----TCTAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      AAGATGAACCTTAGAA--AGTGCCAGGAGTGGCAATGAAGAAAAAATGATGGCTCTACT
      760      770      780      790      800      810

649550 680      690      700      710      720
      AA-----AGAAAAAGACAA--GGATAGTAAGCTTGAAAAAGCCCTAAAGGCTCAGAACGAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CACACCATTAAATGTCAACTGCCACGCAAG--TGA--TGGCAGAAAG--TCAACTCCAT
      820      830      840      850      860

649550 730      740      750      760      770      780
      CTGATCTGGAACATCAAGGACGAGCTAAAGAAAGTGTGTTCAACT---AATG--ACCTGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TACATTTGG--CAGCAGGATATAACAGAGTAAAGATTGTACAGCTGTTACTGCAACATGG
      870      880      890      900      910      920

649550 790      800      810      820      830
      AGGAGCTACTCATCTTCAACAAGCAG-----CAAGTGCCTTCTGGGGAGTCGGCGATCTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      AGCTGATGTCCATGTCTAAAGATAAAGGTGATCTGGTACCAT-TACACAATGCCTGTTCTT
      930      940      950      960      970      980

649550 840      850      860      870      880
      --GGACCG-----AGTAGCCGATGGCATGGT---GTTGCGTGCCCTCCTTCCCTGCGAGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      ATGGTCATTATGAAGTAACTGAACTTTTGGTCAAGCATGGTGCC-TGTGTAATGCAATG
      990      1000      1010      1020      1030      1040

649550 890      900      910      920      930      940
      AATGCTCGGGTCAG----CTGGTCTTCAAGAGCGATGCCTATTACTGCACTGGGGACGTC

```



```

2380      2390      2400      2410      2420      2430
649550 -TATG---AGAAGCTCAAACTGACATTAAGGTGGTTGACAGAGAT-TCTGAAGAAGCCG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TTATGGACATAGGCACAAA-CTAA--TTAAAGGAGTCGAGAGACTTATCTCCGGACAACA
      2990      3000      3010      3020      3030

      2440      2450      2460      2470
649550 AGATCATCAGGAAGTATGTTAA----GAACAC-----TCATGCAACCACAC-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      AGGTCTTAACCCA-TAT-TTAACTTTGAACACCTCTGGTAGTGGAACAATTCTTATAGAT
      3040      3050      3060      3070      3080      3090

      2480      2490      2500
649550 -----ACAATGCGTATGACT---TGGA-----AGT-CA--TCGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CTGTCTCCTGATGATAAAGAGTTTCAGTCTGTGGAGGAAGAGATGCAAAGTACAGTTCGA
      3100      3110      3120      3130      3140      3150

      2510      2520      2530      2540      2550
649550 TATCTTTAAGATAGAG--CGTGAAGGCGAA---TGCCAGCGTTACAAGCC-CT----TT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      GAGCACAGAGATGGAGGTCATGCAGGTGGAATCTTCAACAGATACAATATTCTCAAGATT
      3160      3170      3180      3190      3200      3210

      2560      2570      2580      2590
649550 AAGCAGCTTCATAACCGAAGATTGCTGTGGCACGGGTCCA-----GGA-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CAGAAGGTTTGTAACT--AAGAAA-CTATGGGAAAGATACACTCACCGGAGAAAAGAAGTT
      3220      3230      3240      3250      3260      3270

      2600      2610      2620      2630
649550 -----CCACCAACTTTGC---TG---GGATCCTGTCCCA-GGGTCTTCG-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TCTGAAGAAAACCAC-AACCATGCCAATGAACGAATGCTATTTTCATGGGTCTCCTTTTGT
      3280      3290      3300      3310      3320      3330

      2640      2650      2660      2670
649550 GA-----TAGCCCC---GCCT-----GAAGCGCCCGTG---ACAGGCTACATGTTTGG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      GAATGCAATTATCCACAAAGGCTTTGATGAAAGGCATGCGTACATAGGTGGTATGTTTGG
      3340      3350      3360      3370      3380      3390

      2680      2690      2700      2710      2720      2730
649550 TAAAGGATCTATTTGCTGACATGGTCTCCAAGAGTGCCAACACTACTGCCATACGTCTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      AGCTGGCATTTATTTTGTGCTGAAAACCTCTTCCAAAAG--CAATCAATATGTATATGGAATT
      3400      3410      3420      3430      3440

      2740      2750      2760      2770      2780
649550 GGGAGACCCAATAGGCTTAATCCTGTT-----GGGAGAAGTTGC--CCTTGGAACATG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      GGAGGAGGTACTGGGTGT---CCAGTTCACAAAGACAGATCTTGTTACATTGCCACAGG
      3450      3460      3470      3480      3490      3500

      2790      2800      2810      2820      2830
649550 TA--TGAAGTGAAGCAGCTTCACATATCAGCAAGT--TACC--CA---AGGGCAAGCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CAGCTGCTCTTTTGC-CGGGTAACCT-TGGGAAAGTCTTTTCTGCAGTTTCAGTGAATGA
      3510      3520      3530      3540      3550      3560

      2840      2850      2860      2870
649550 CAGTGTCAAAGGTTT-----GGGCAAACTAC--CCCTGAT---CCTTCAG-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      AAATGGCACATTCTCCTCCAGGTCATCACTCAGTCACTGGTAGGCC--CAGTGTAATGG

```

```

        3570      3580      3590      3600      3610      3620
2880      2890      2900      2910      2920      2930
649550 -CTAACATTAGTCTGGATGGTGTAGACGTTCCCTCTTGGGACCGGGATTTCATCTGGTGTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      CCTAGCATTAG-CTGAATATGTTAT---TTACAGAGGAGAACAGGCTT--ATCCTGAGTA
      3630      3640      3650      3660      3670

2940      2950      2960      2970      2980
649550 AATGACACCTCTCTACTATATAACGAGTAC-----ATTGTCTATG---ATATTGCTCA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TTTAATTACT---TACCAGATTATGAGGCCTGAAGGTATGGTCGATGGATAAATAGTTAT
      3680      3690      3700      3710      3720      3730

2990      3000      3010      3020
649550 GGTAATCTGAAGTA--TCTGCTGAAACTGAAAT--TCAA-----T
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TTTAAGA---AACTAATCCACTGAACCTAAAATCATCAAAGCAGCAGTGGCCTCTACGT
      3740      3750      3760      3770      3780      3790

3030      3040
649550 TTTAAGACCTCCCTGTGGTAA-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
      TTTACTCCTTTGCTGAAAAAAAAAAAA
      3800      3810

```